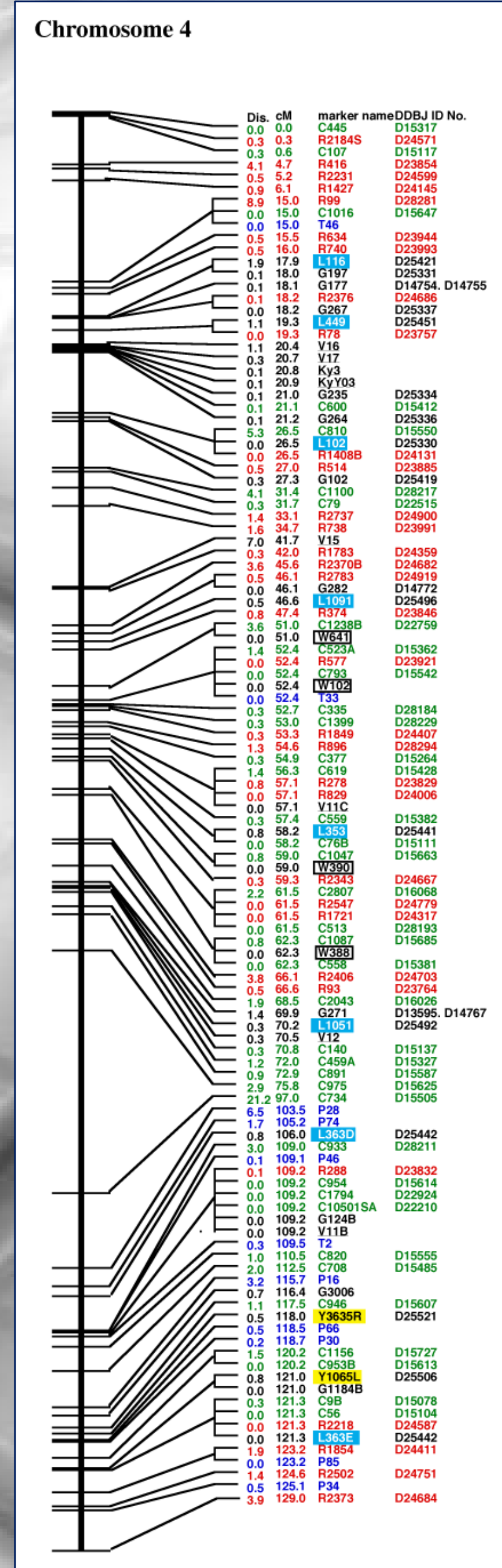
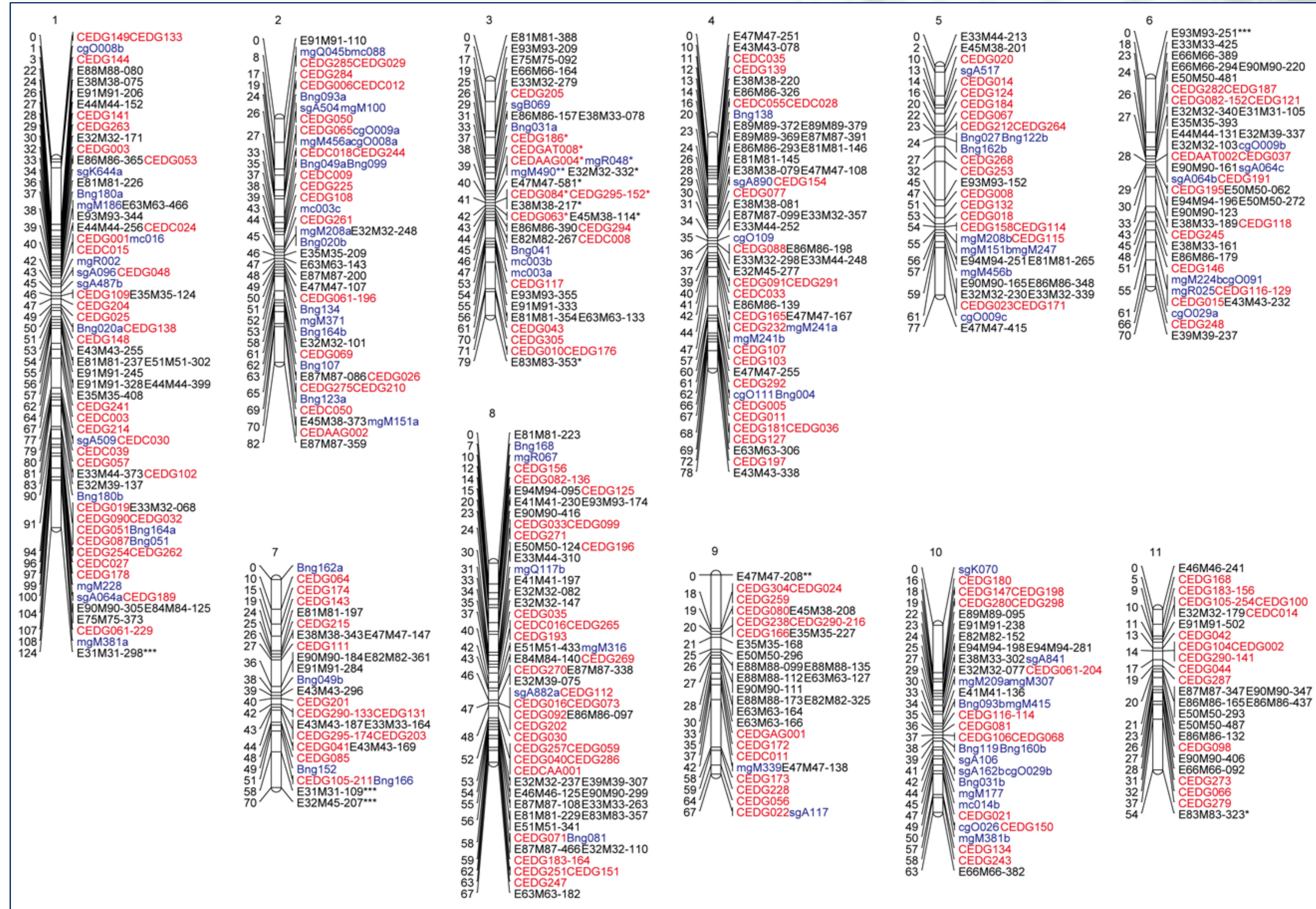


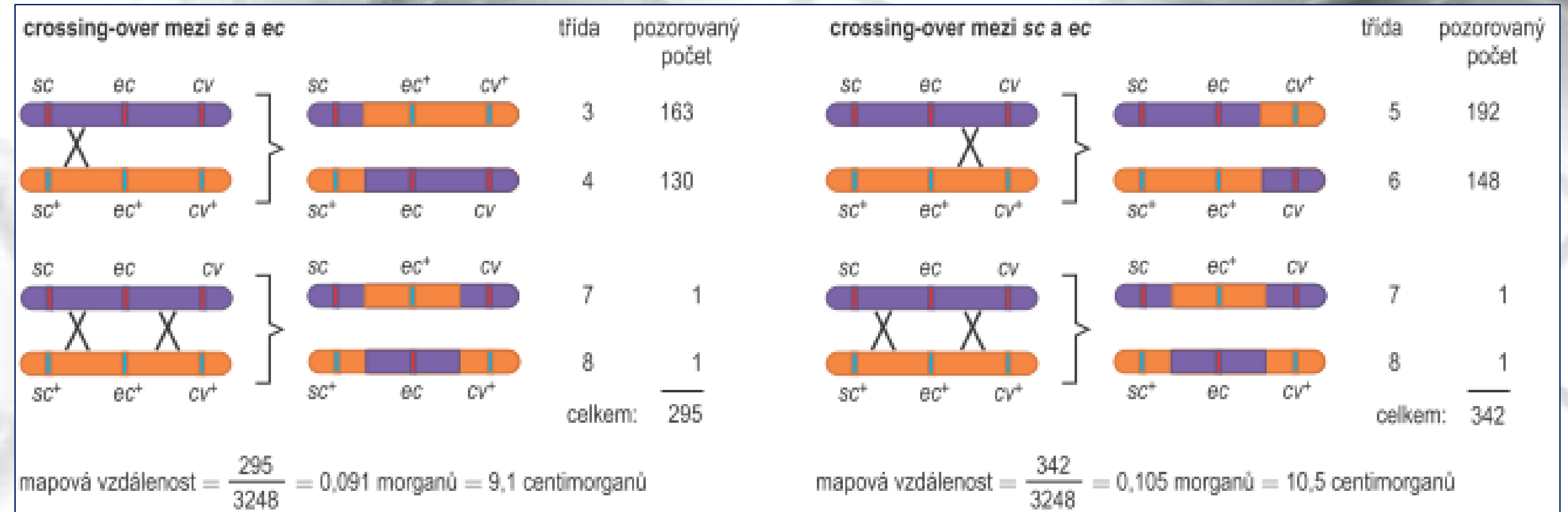
Tříbodové mapování



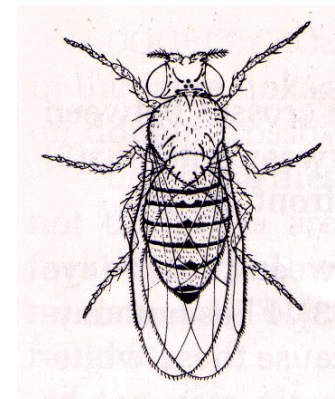
1) Odstranění rodičů v pokusu s octomilkou

2) Tříbodové mapování - postup

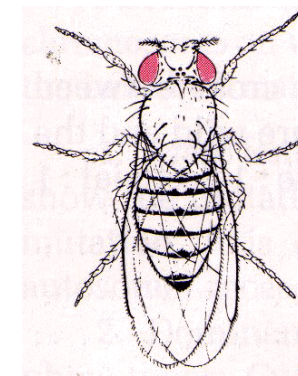
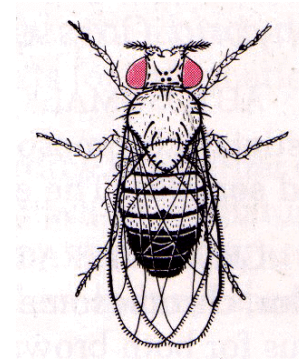
3) Zápočtové příklady na Tříbodové mapování



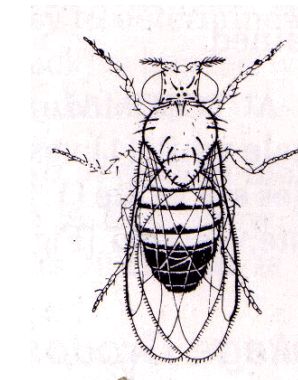
Pozorování dědičnosti znaku white v pokusu s octomilkou



X



X



1. týden

Odstranění rodičů

2. týden

Vyhodnocení generace F₁

3. týden



Odstranění rodičů

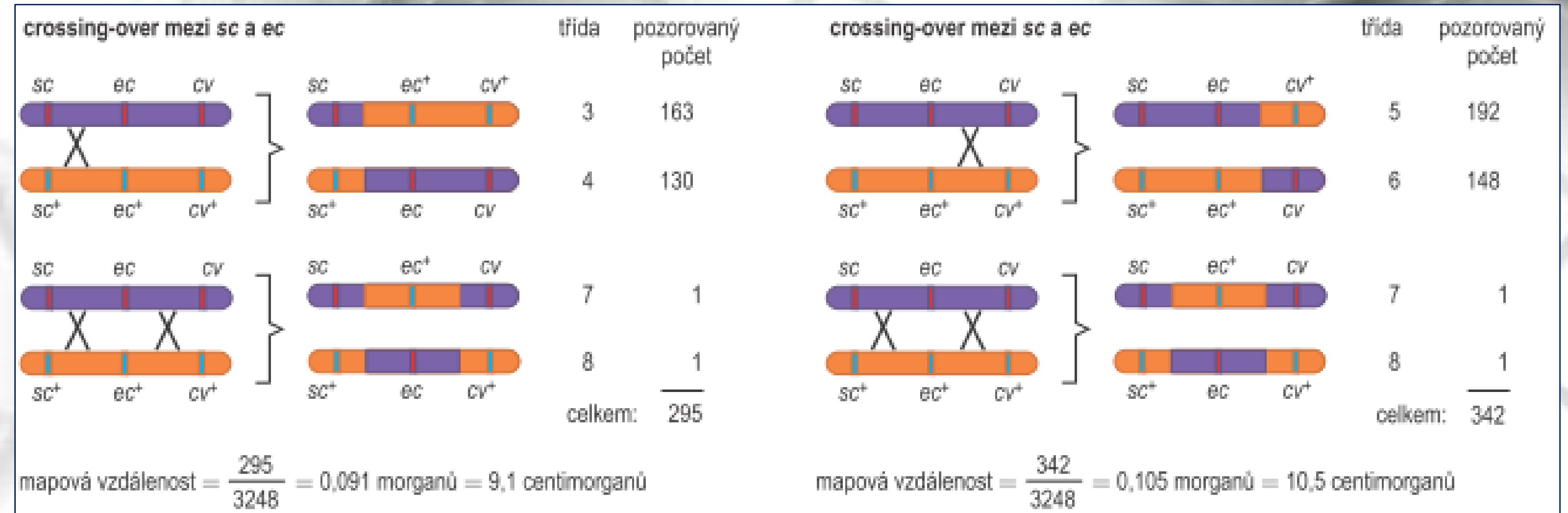
4. týden

Vyhodnocení generace F₂

1) Odstranění rodičů v pokusu s octomilkou

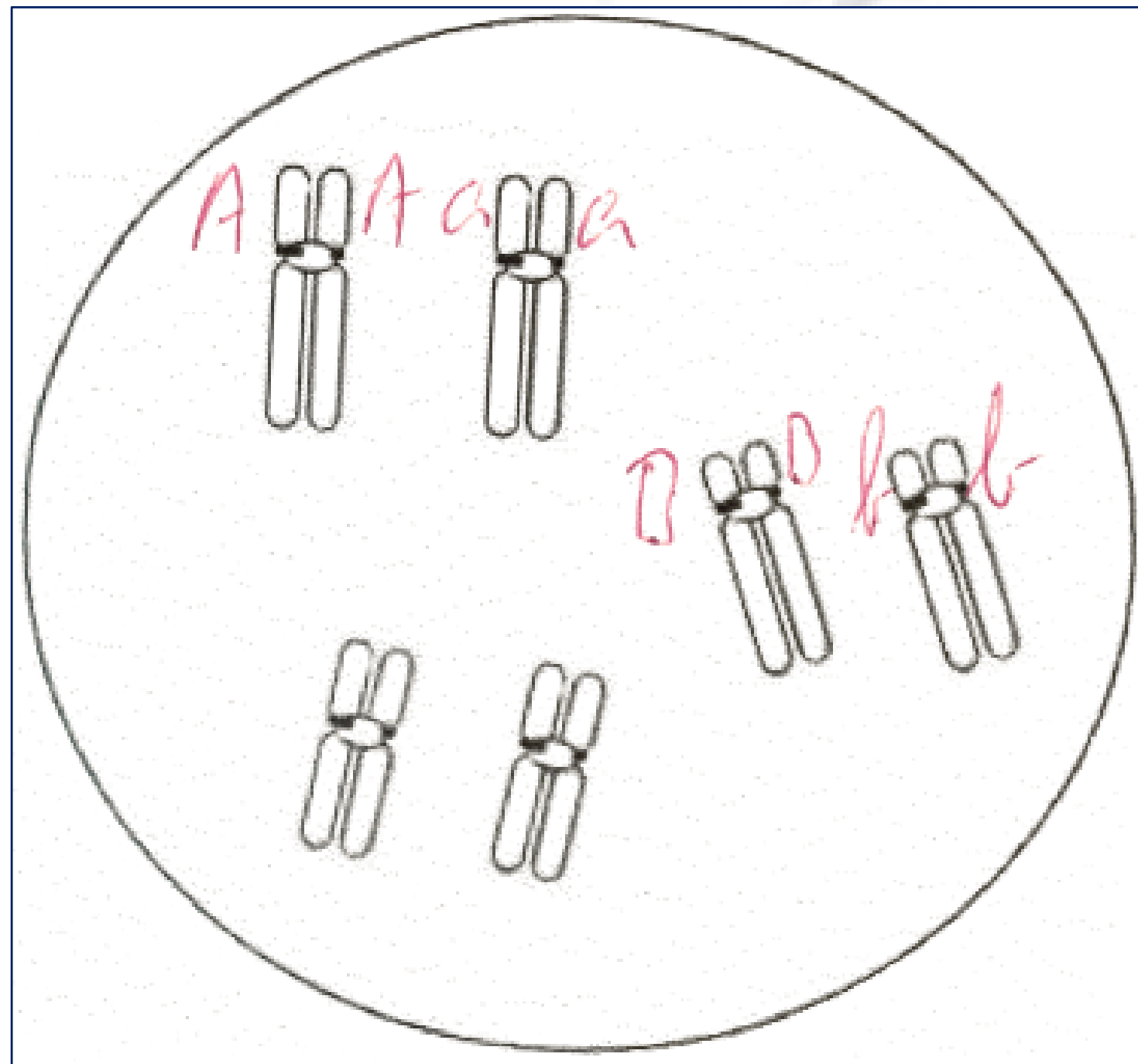
2) Tříbodové mapování - postup

3) Zápočtové příklady na Tříbodové mapování

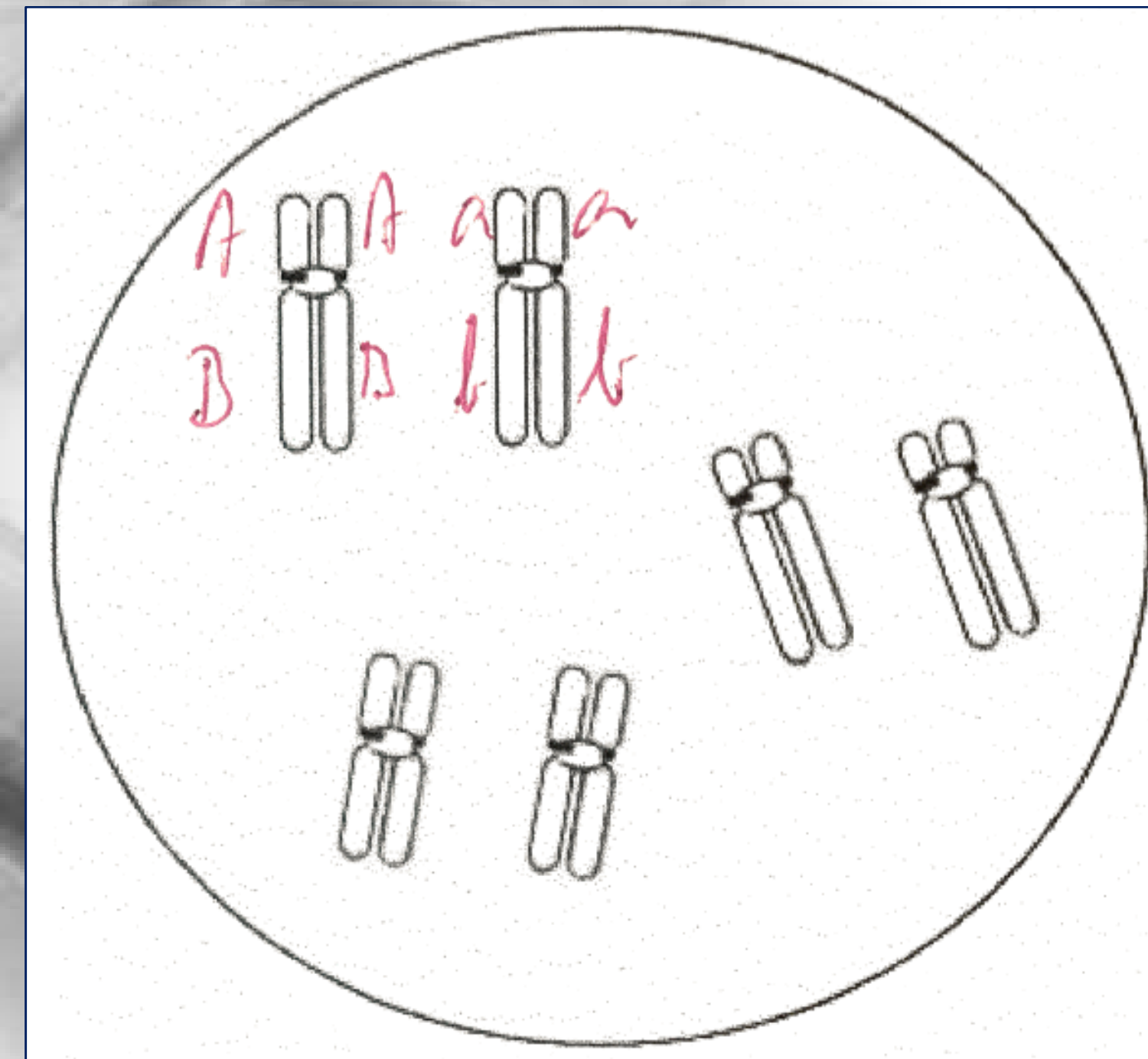


Tříbodové mapování

- **vazbové mapování** – vazbová skupina, geny ve vazbě



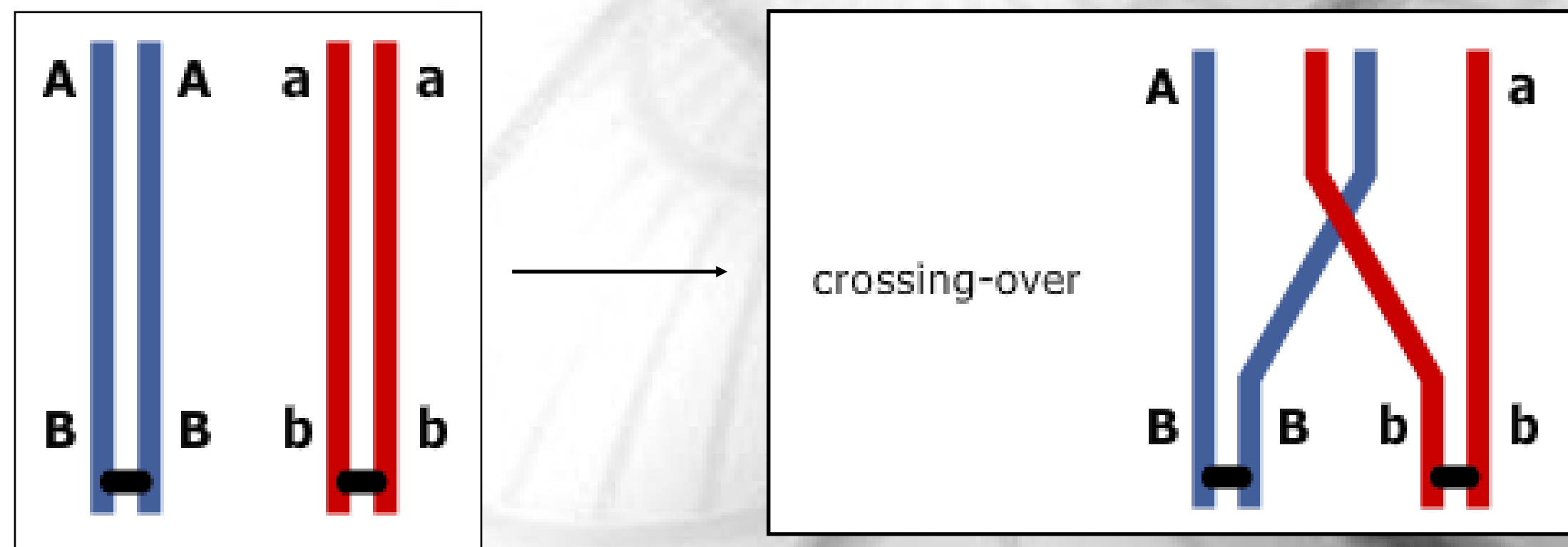
geny **A** a **B** jsou **volně kombinovatelné**



geny **A** a **B** jsou **ve vazbě**

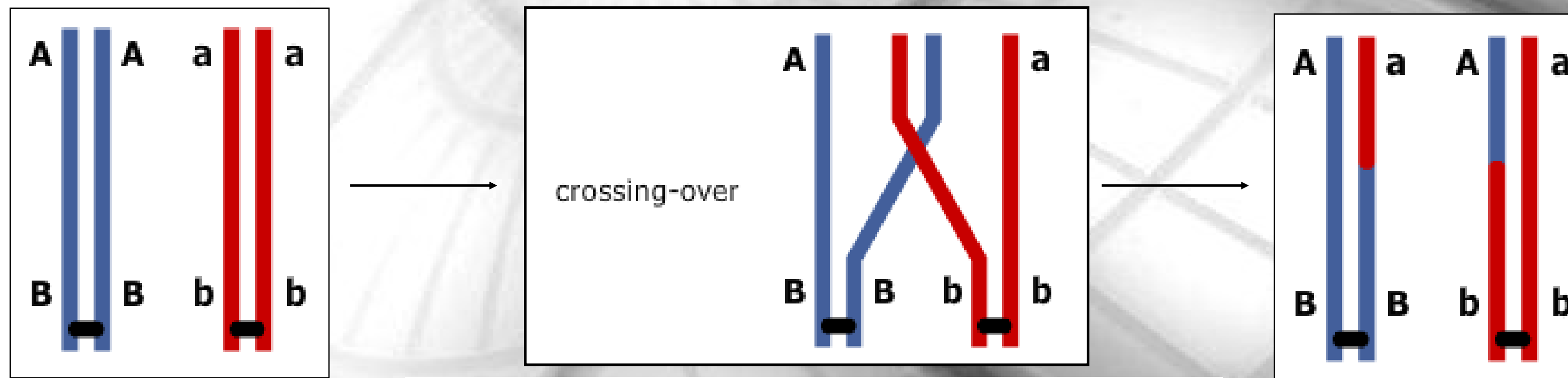
Tříbodové mapování

- vazbové mapování
- při vazbě dvou genů **neplatí volná kombinovatelnost**
 - = odchylky od fenotypového štěpného poměru 9:3:3:1 v F₂ a **1:1:1:1 v B₁ generaci**
 - = pokles v četnosti crossing overu



Tříbodové mapování

- vazbové mapování
- při vazbě dvou genů **neplatí volná kombinovatelnost**
 - = odchylky od fenotypového štěpného poměru 9:3:3:1 v F₂ a **1:1:1:1 v B₁ generaci**
 - = pokles v četnosti crossing overu

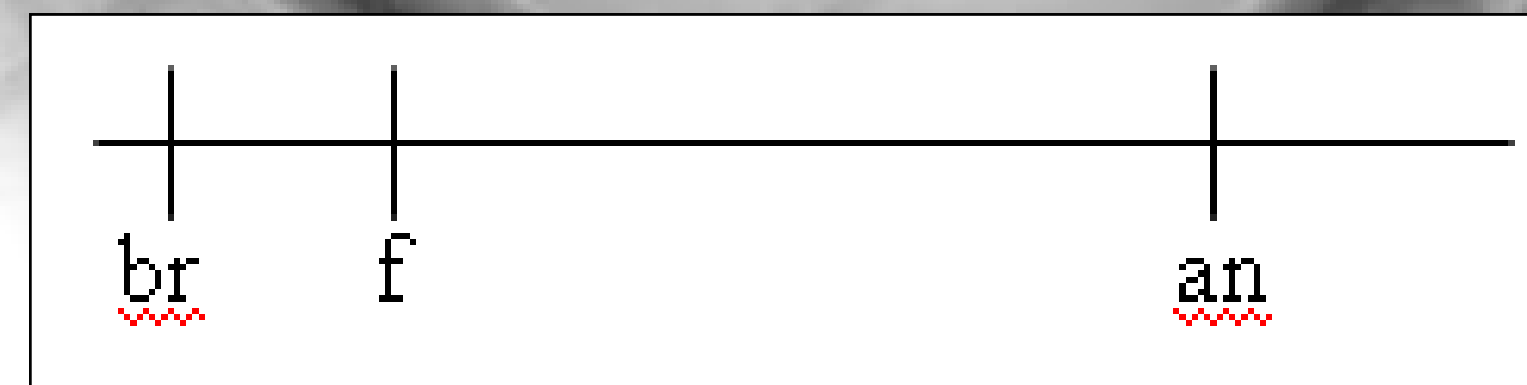
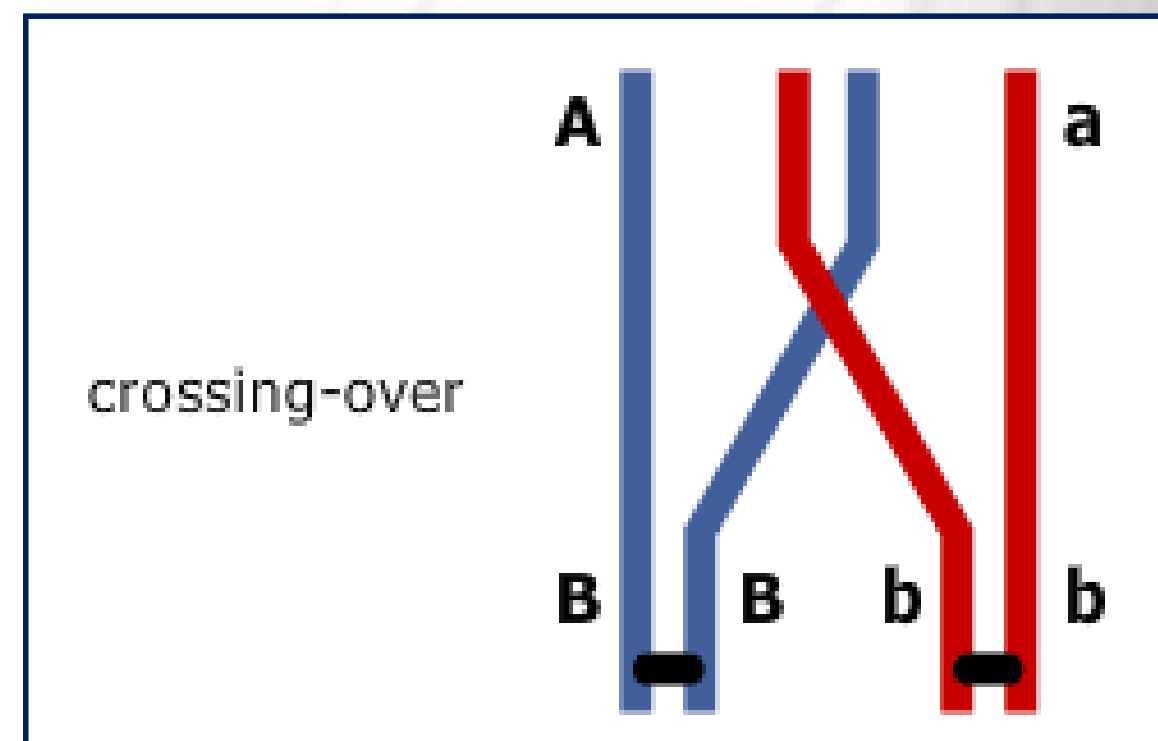


Pokračovat

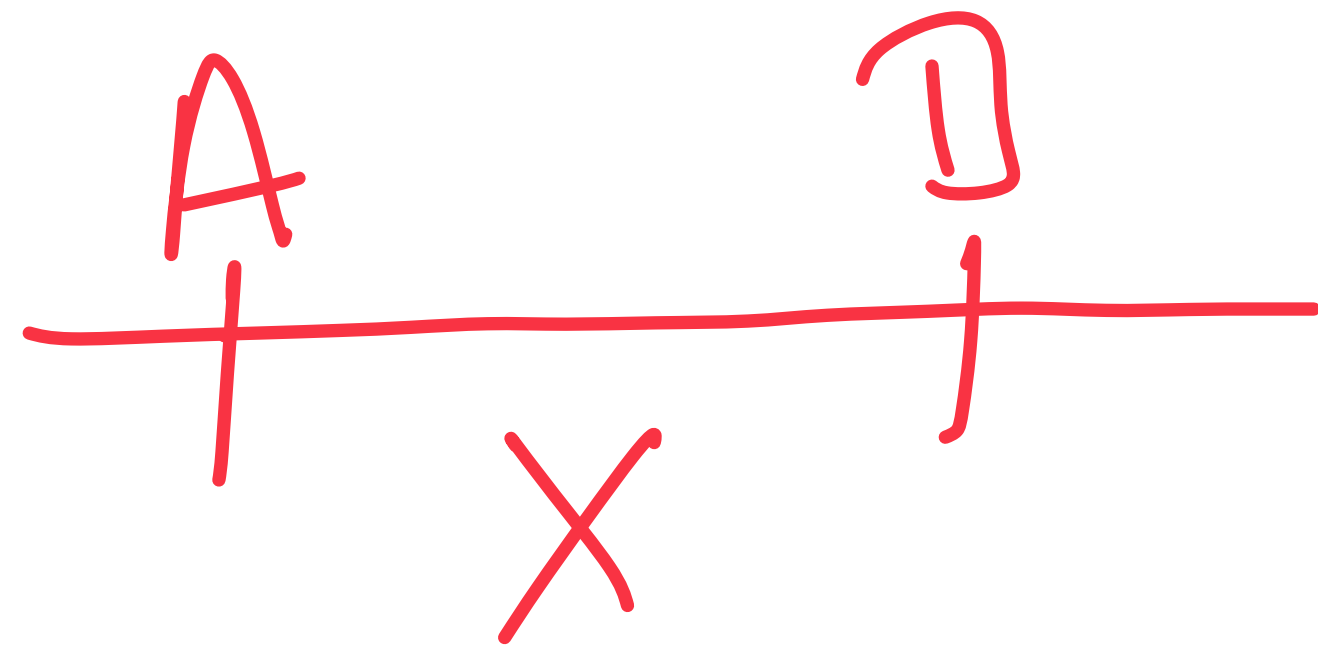
Zpět

Tříbodové mapování

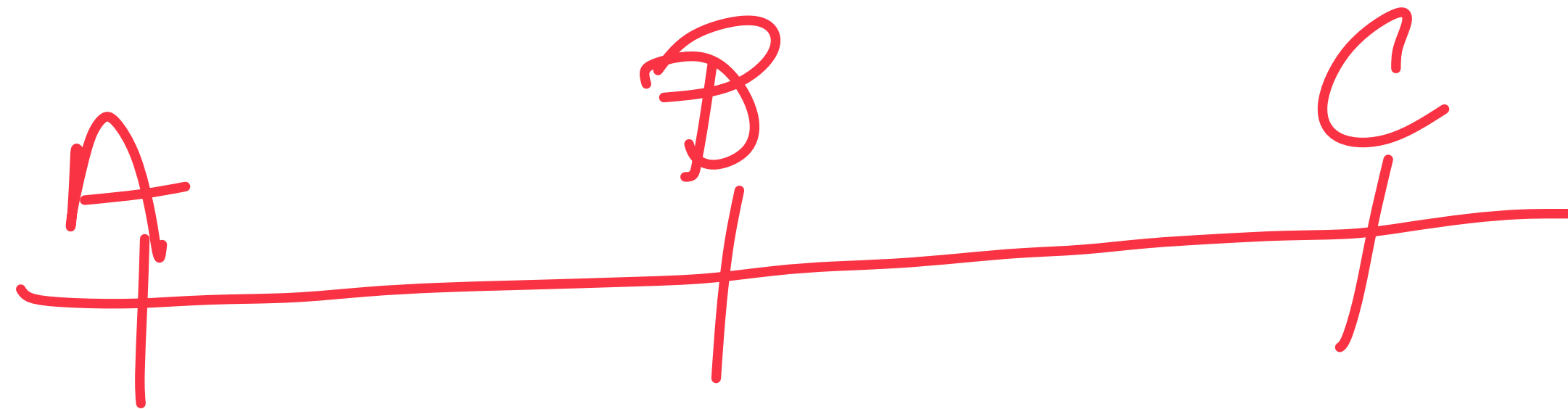
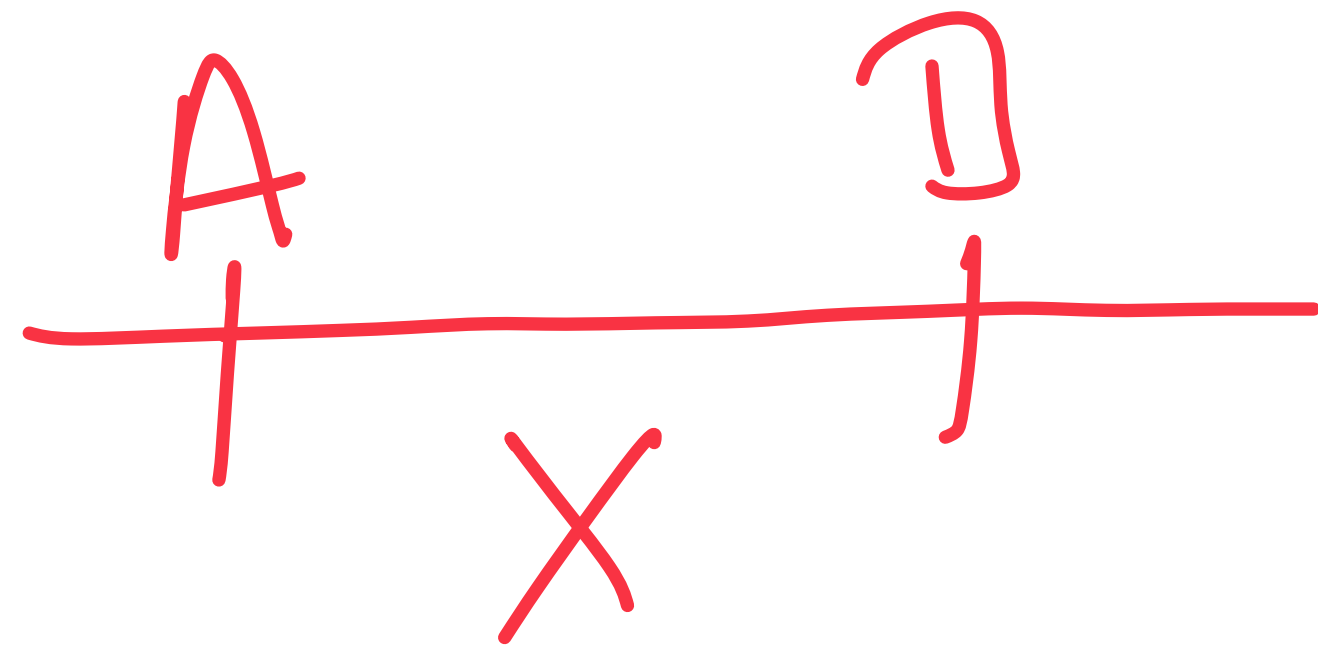
- vazbové mapování
- při vazbě dvou genů **neplatí volná kombinovatelnost**
 - = odchylky od fenotypového štěpného poměru 9:3:3:1 v F_2 a **1:1:1:1 v B_1 generaci**
 - = pokles v četnosti crossing overu
- čím jsou si **geny blíže**, tím menší je síla vazby, tedy vzniká **méně crossing-overů**
- síla vazby = vzdálenost mezi geny: **1 % crossing-overu = 1 cM** (centimorgan)



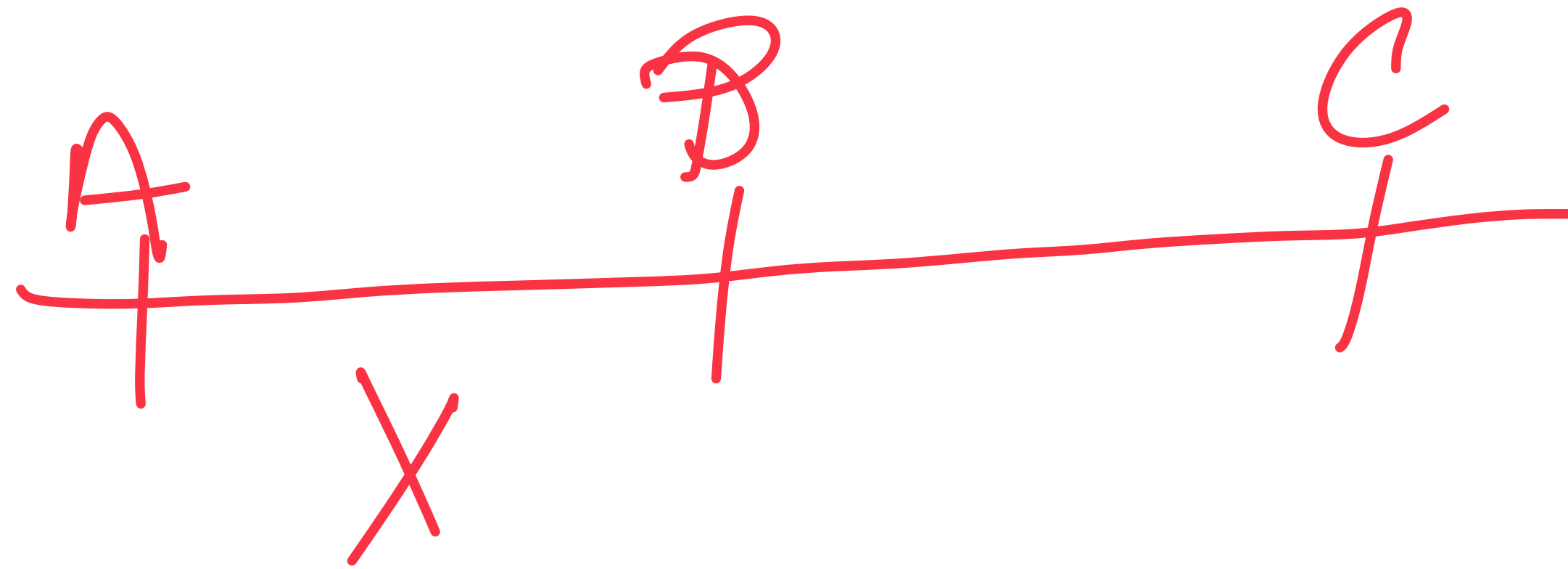
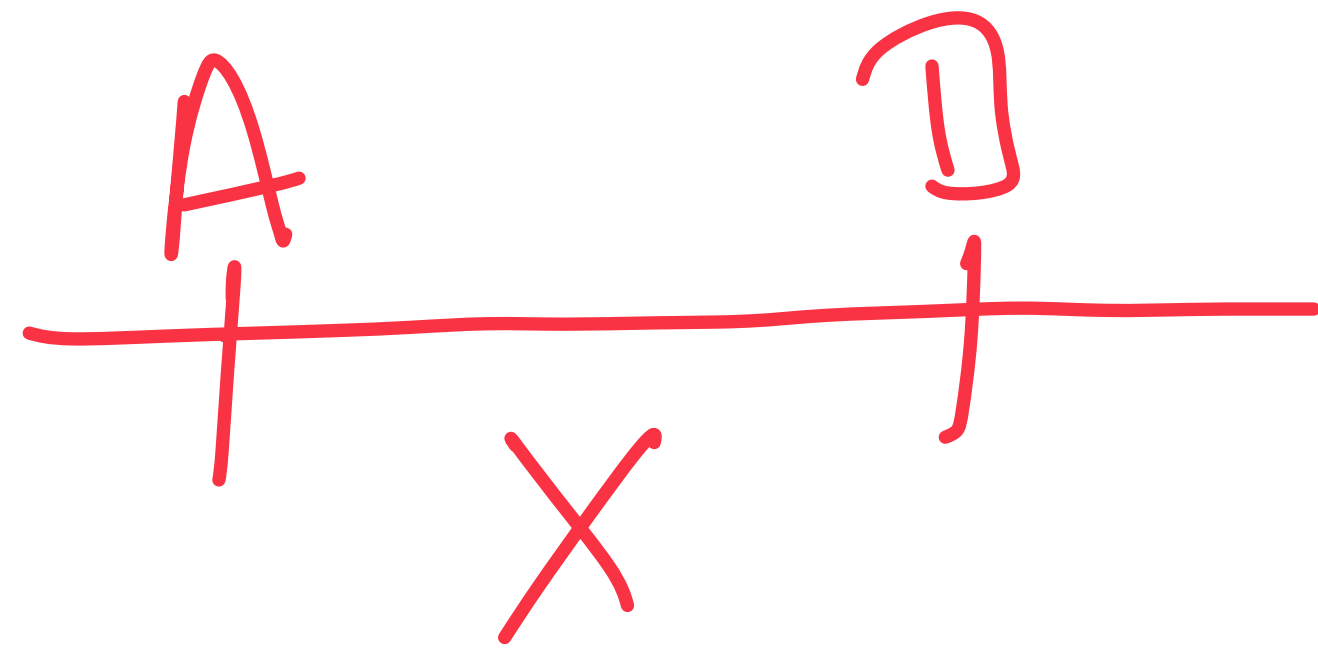
Třibodové mapování



Třibodové mapování

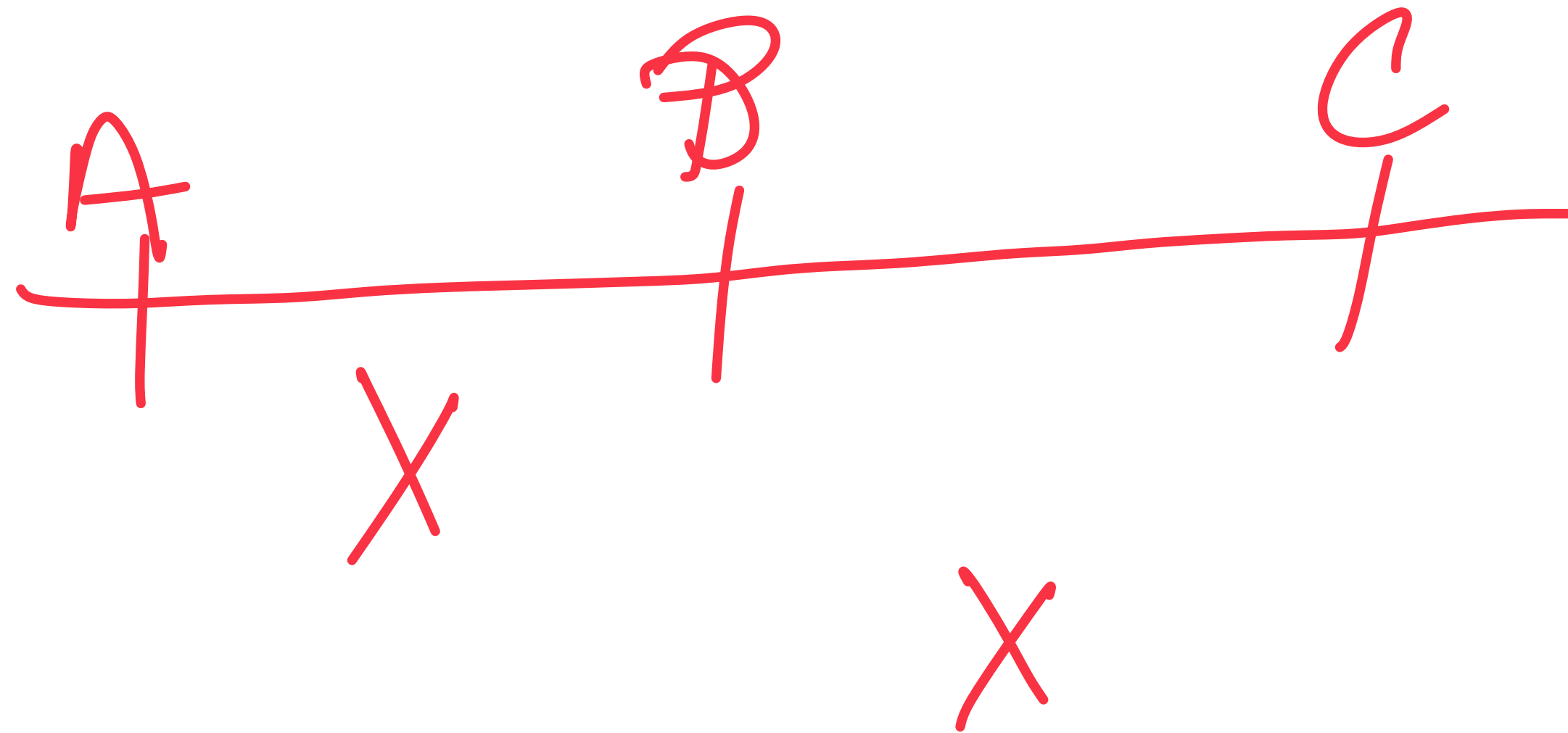
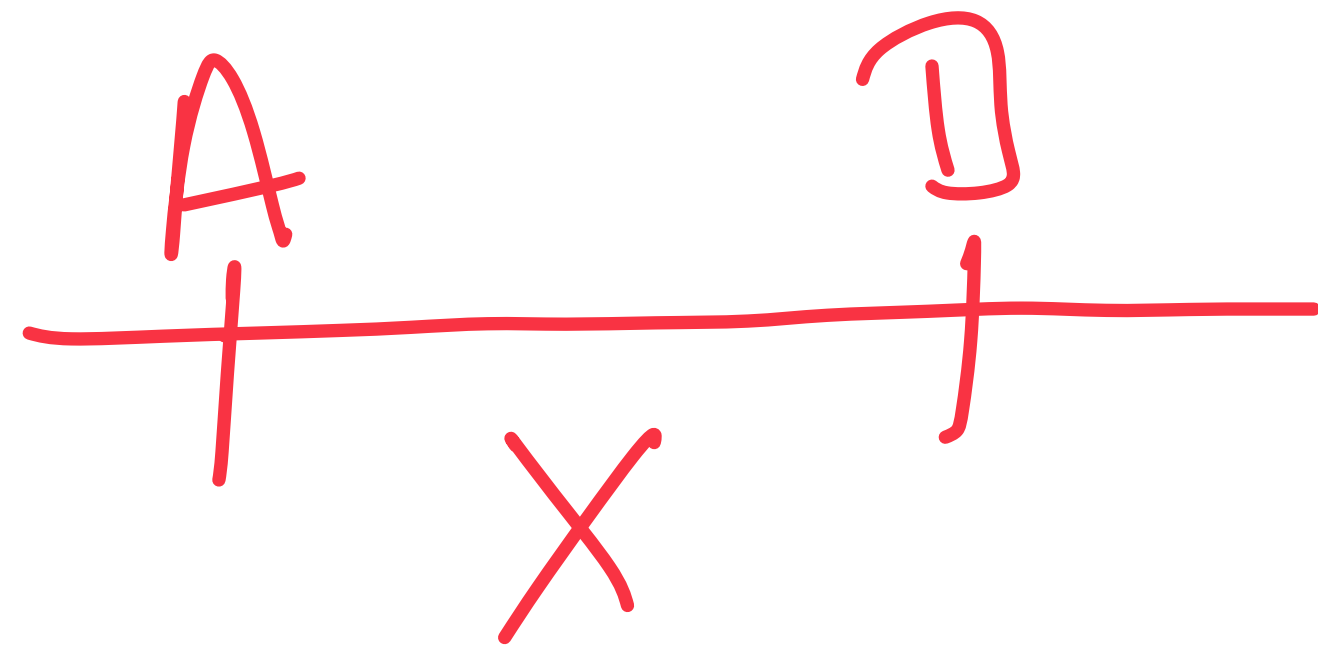


Třibodové mapování



Sc0

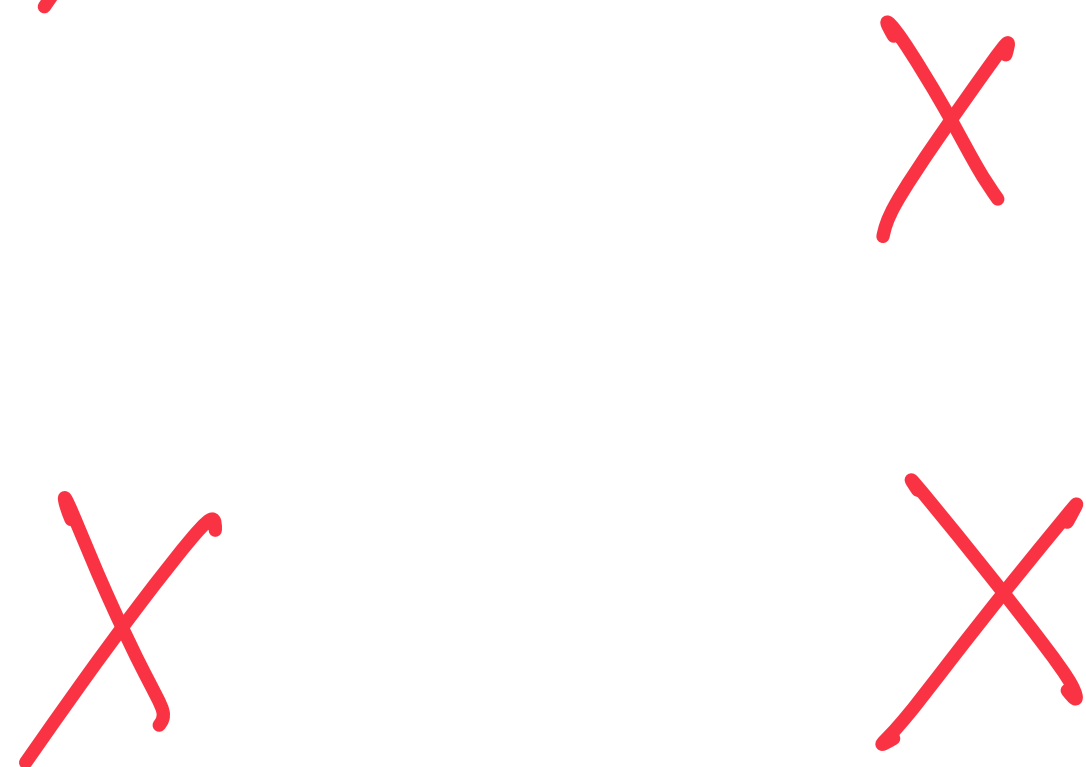
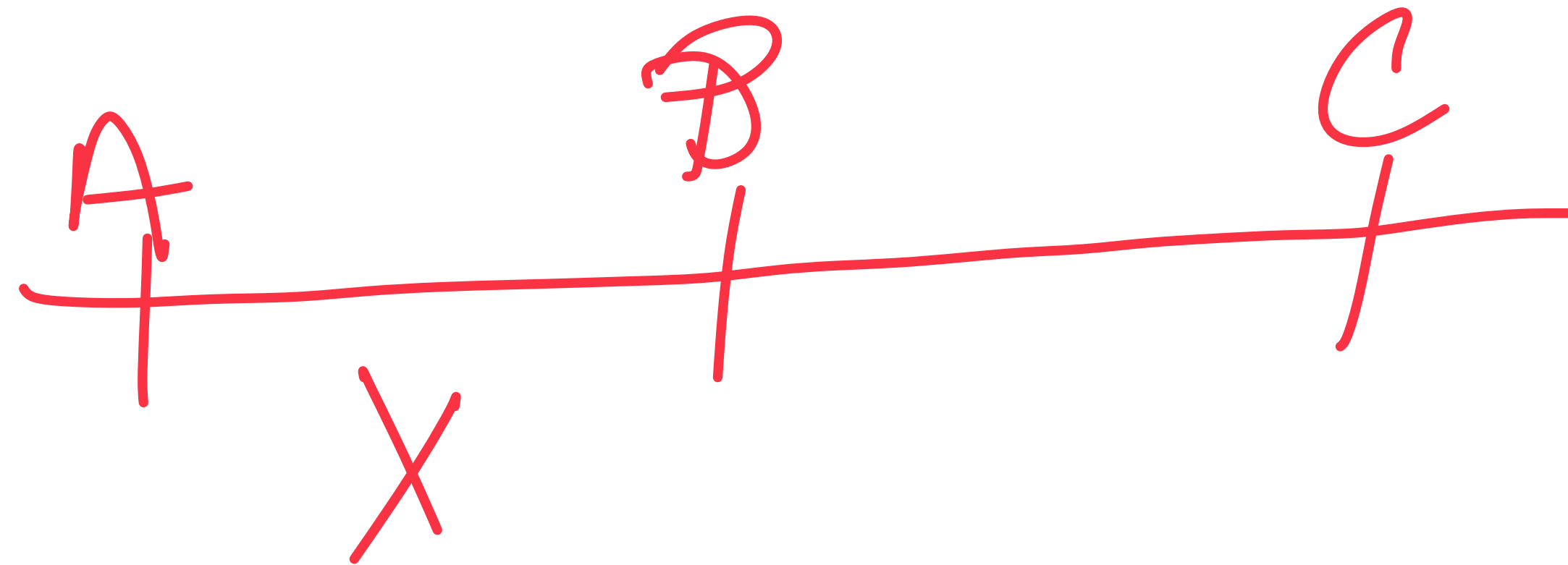
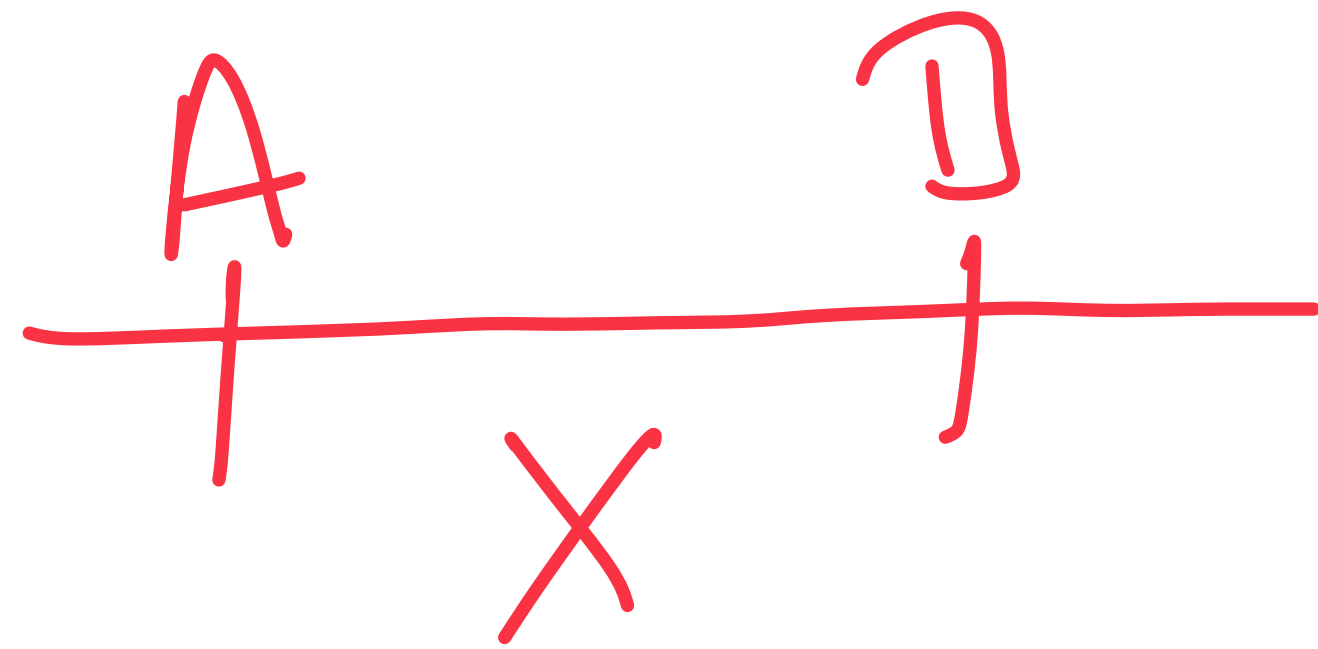
Třibodové mapování



SCO

SCO

Třibodové mapování

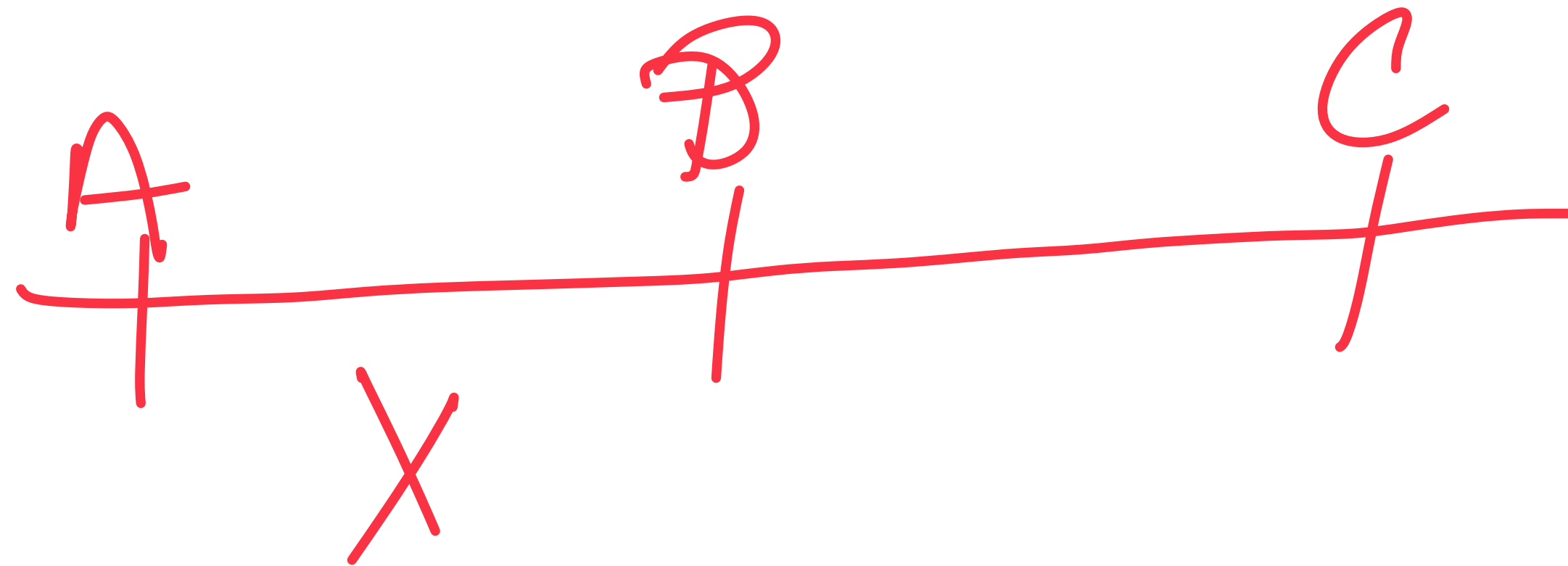
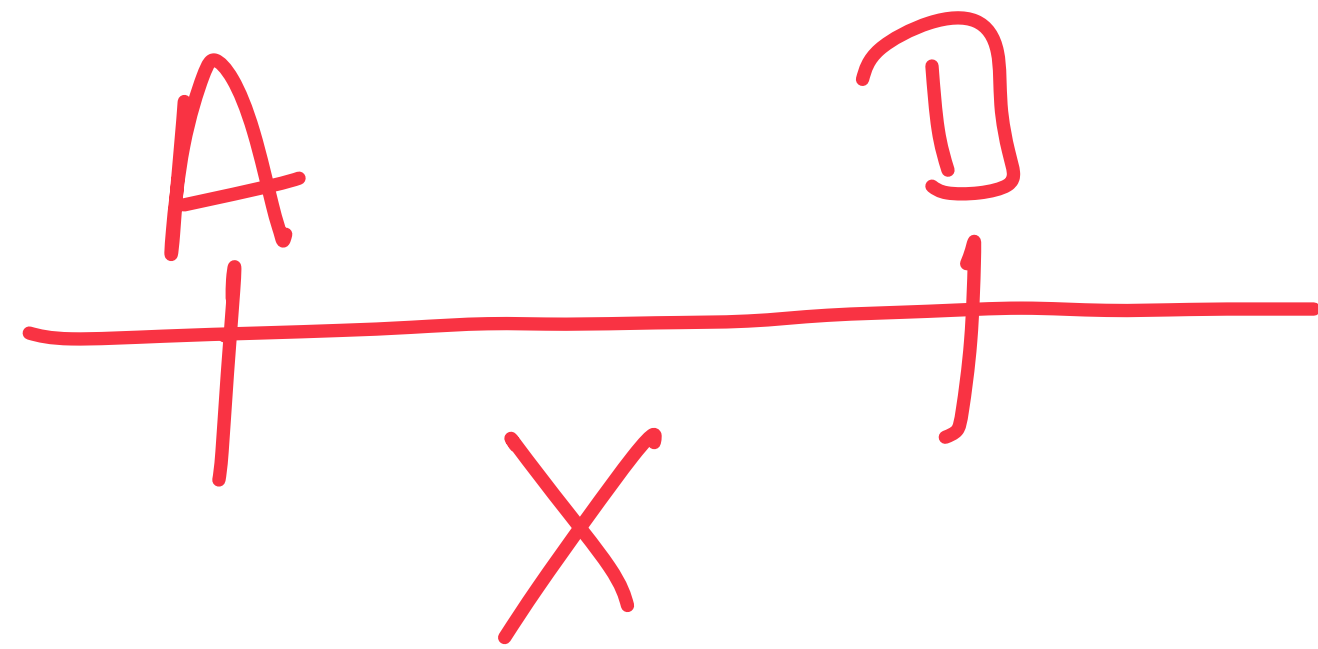


SCO

SCO

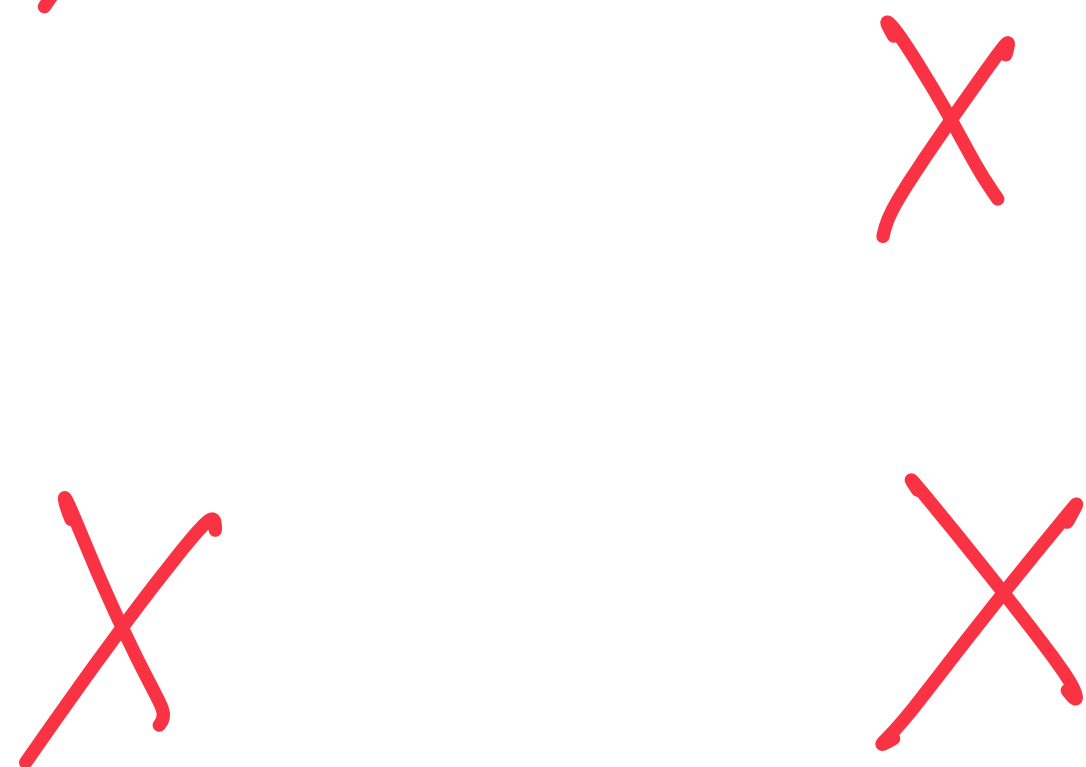
DCO

Třibodové mapování



Sc0

Sc0



Dc0 (Sc0 x Sc0)

Tříbodové mapování

Podmínky pro tříbodové mapování:

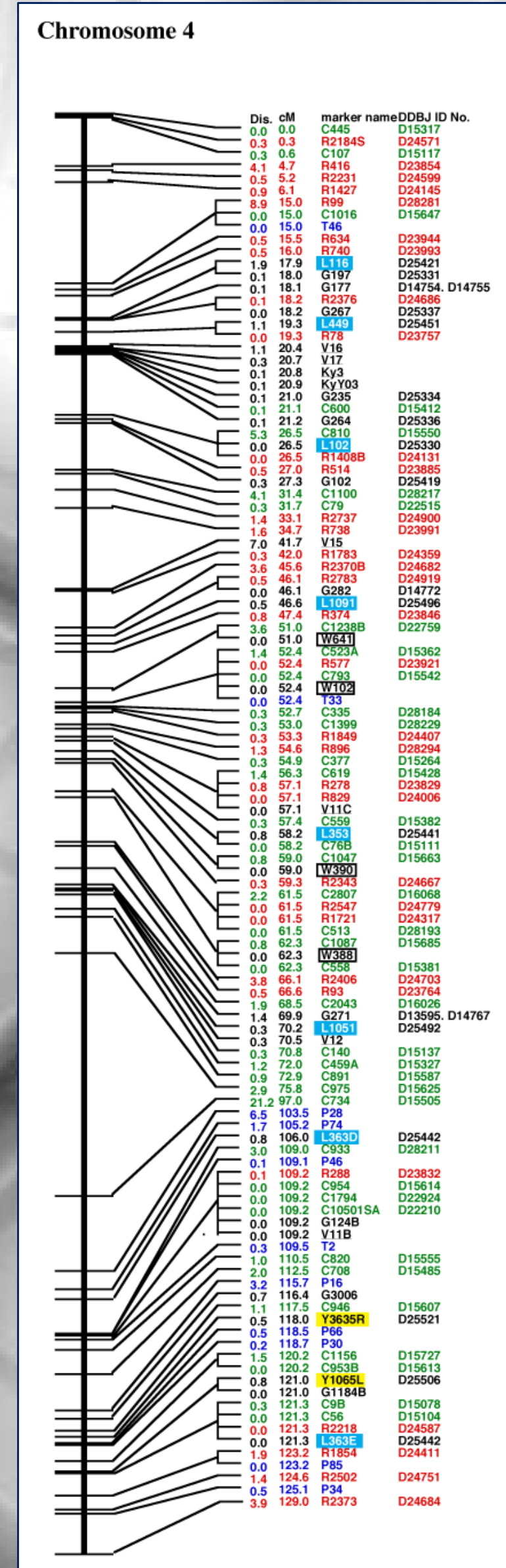
- 1) jeden z rodičů je **heterozygot** ve všech třech mapovaných genech
- 2) druhý rodič je **recesivní homozygot** ve všech třech mapovaných genech
- 3) k dispozici máme dostatečně **velké potomstvo** těchto rodičů tak, abychom zachytili i potomky s dvojnásobným crossing-overem

Příklad 1

U kukuřice je alela *an* (*anther ear*), *br* (*brachytic*) a *f* (*fine stripe*) všechny na chromozomu 1. Z údajů v tabulce určete pořadí genů na chromozomu a mapové vzdálenosti mezi nimi. Namalujte genetickou mapu této části chromozomu.



Fenotyp potomstva	Počet
+++	88
++f	21
+br+	2
+brf	339
an++	355
an+f	2
anbr+	17
anbrf	55
celkem	879



Postup:

1) Rozdělení jedinců do tříd podle četnosti crossing-overu

- DCO (double c.-o.), SCO (single c.-o.) a NCO (non c.-o. – rodičovská kombinace).

DCO

+ br +	2	tedy 4 jedinci z 879, tj. 0,46 %
an + f	2	

NCO

+ br f	339	78,95 %
an + +	355	

SCO

+ + +	88	16,27 %
an br f	55	

SCO

+ + f	21	4,32 %
an br +	17	

Fenotyp potomstva	Počet
+ + +	88
+ + f	21
+ br +	2
+ br f	339
an + +	355
an + f	2
an br +	17
an br f	55
celkem	879

Postup:

2) Stanovení pořadí genů na chromozomu

- u rodičovského uspořádání provedeme dvojitý crossing-over a porovnááme, zda-li se takto vzniklé kombinace skutečně vyskytly v DCO potomstvu

testujeme:

+	br	f	→	++f	++f se ve třídě DCO nevyskytuje (je tam a + f) = toto pořadí tedy není správné
an	+	+		a br +	

prohodíme pozice genů *an* a *br* a testujeme:

br	+	f	→	br an f	ani br an f se ve třídě DCO nevyskytuje, tedy ani toto pořadí není správné
+	an	+		+++	

zaměníme tedy pozice genů *an* a *f* a testujeme:

br	f	+	→	br ++	br ++ se ve třídě DCO vyskytuje, tedy našli jsme správné pořadí genů br - f - an
+	+	an		+ f an	

DCO

+	br	+	2	0,46 %
an	+	f	2	

NCO

+	br	f	339	78,95 %
an	+	+	355	

SCO

+	+	+	88	16,27 %
an	br	f	55	

SCO

+	+	f	21	4,32 %
an	br	+	17	

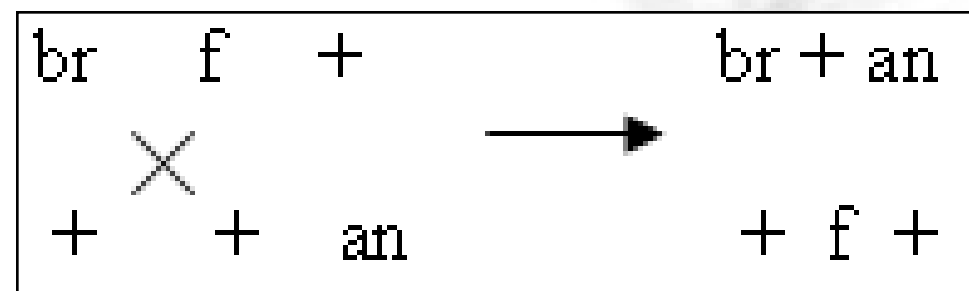
Postup:

3) Výpočet vzdálenosti genů mezi sebou.

- vzdálenost mezi dvěma geny určíme jako součet četností SCO mezi těmito dvěma geny a DCO.

br - f

- nejdříve si určíme správnou třídu SCO, testujeme tedy jednoduchý c.-o. na rodičovském uspořádání:



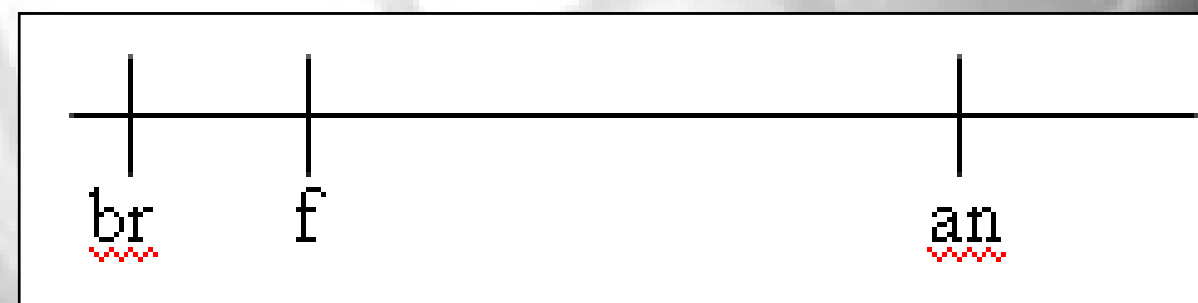
- vzdálenost určíme jako:

$$\text{SCO (br + an)} + \text{DCO} = 4,32 + 0,46 = \mathbf{4,78 \text{ cM}}$$

f - an

$$\text{SCO (br f an)} + \text{DCO} = 16,27 + 0,46 = \mathbf{16,73 \text{ cM}}$$

4) Obrázek genetické mapy:



DCO

+ br +	2	
an + f	2	0,46 %

NCO

+ br f	339	
an + +	355	78,95 %

SCO

+ + +	88	
an br f	55	16,27 %

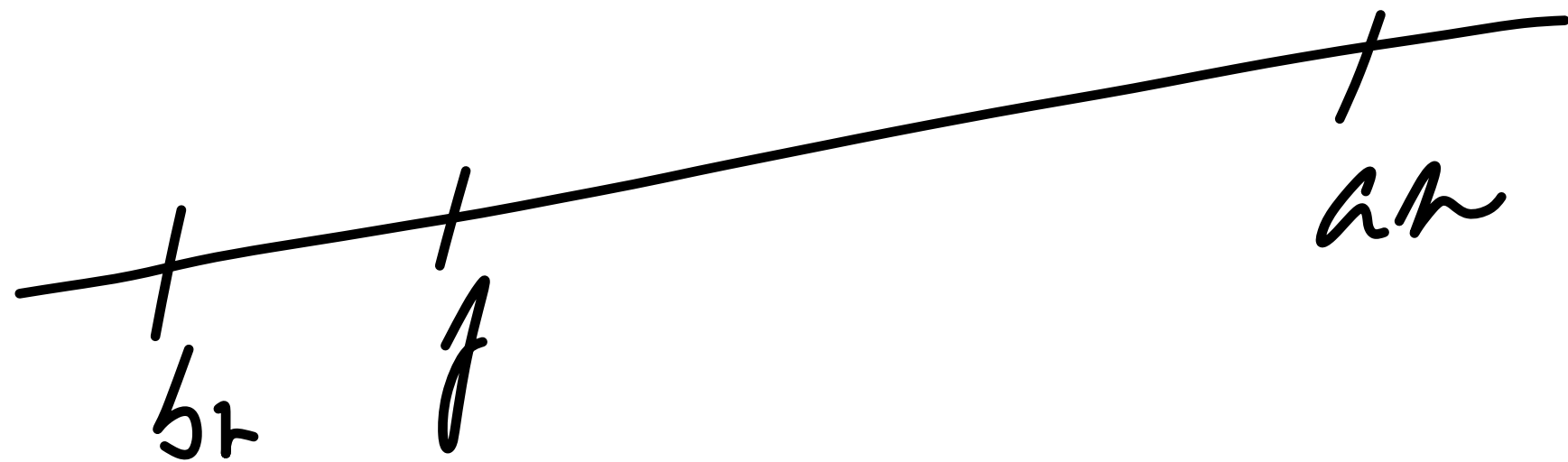
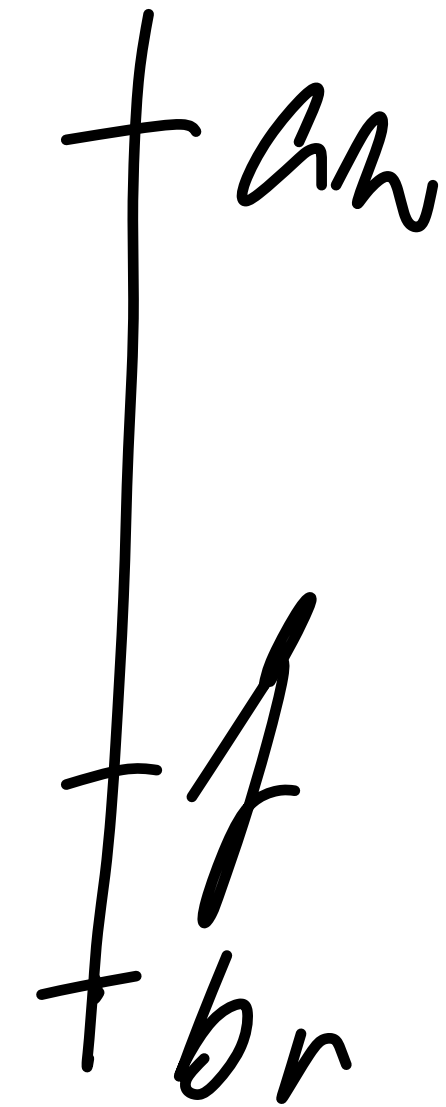
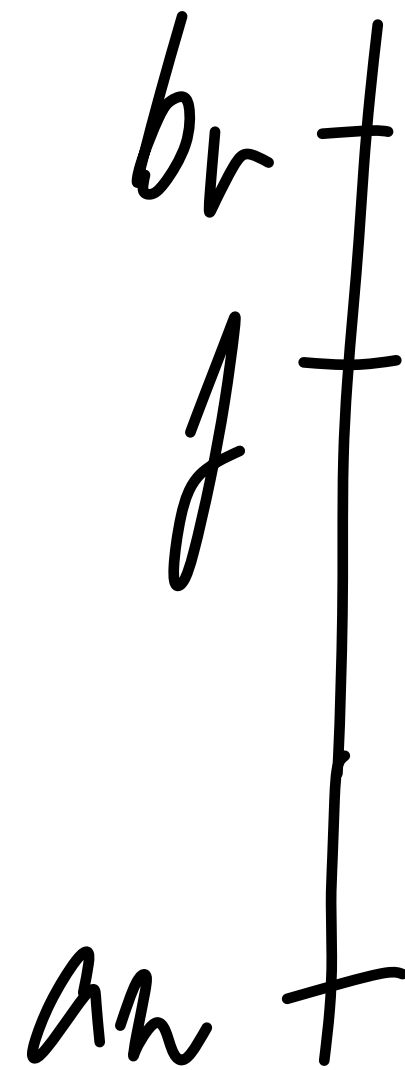
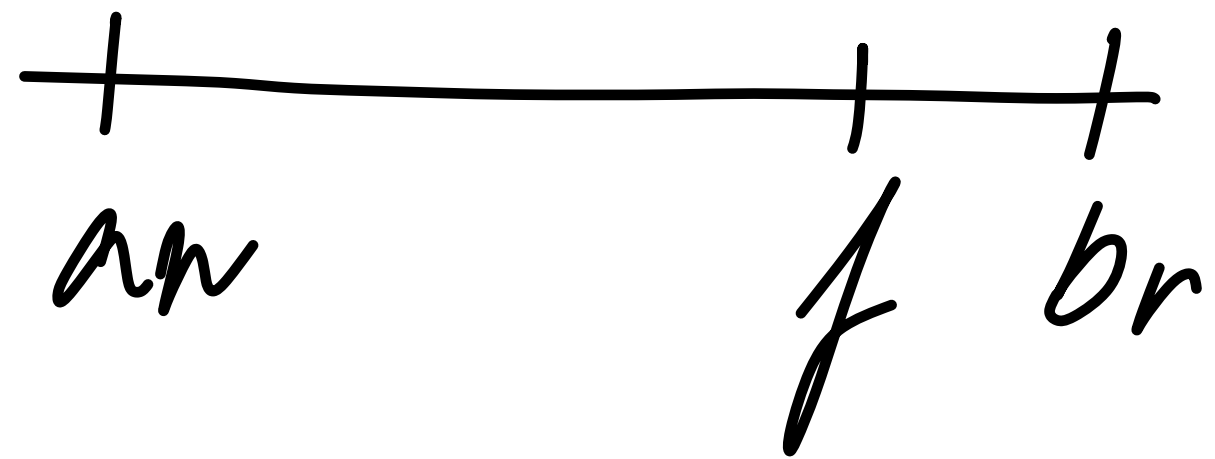
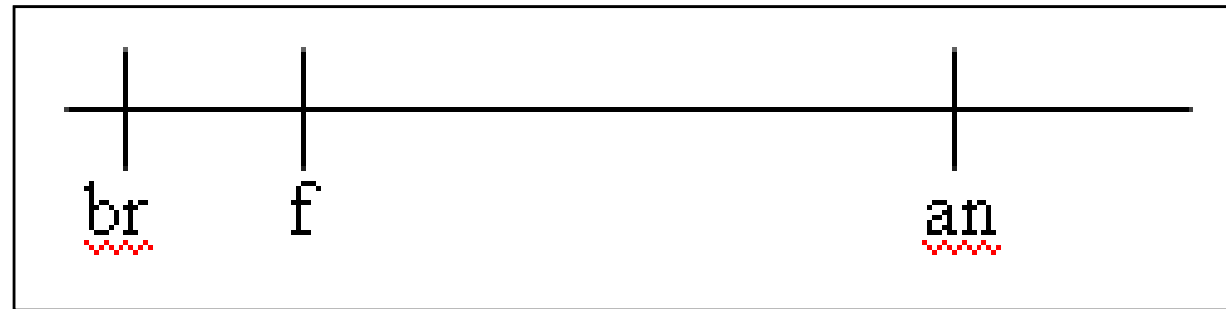
SCO

+ + f	21	
an br +	17	4,32 %

Pořadí NCO

br f +
+ + an

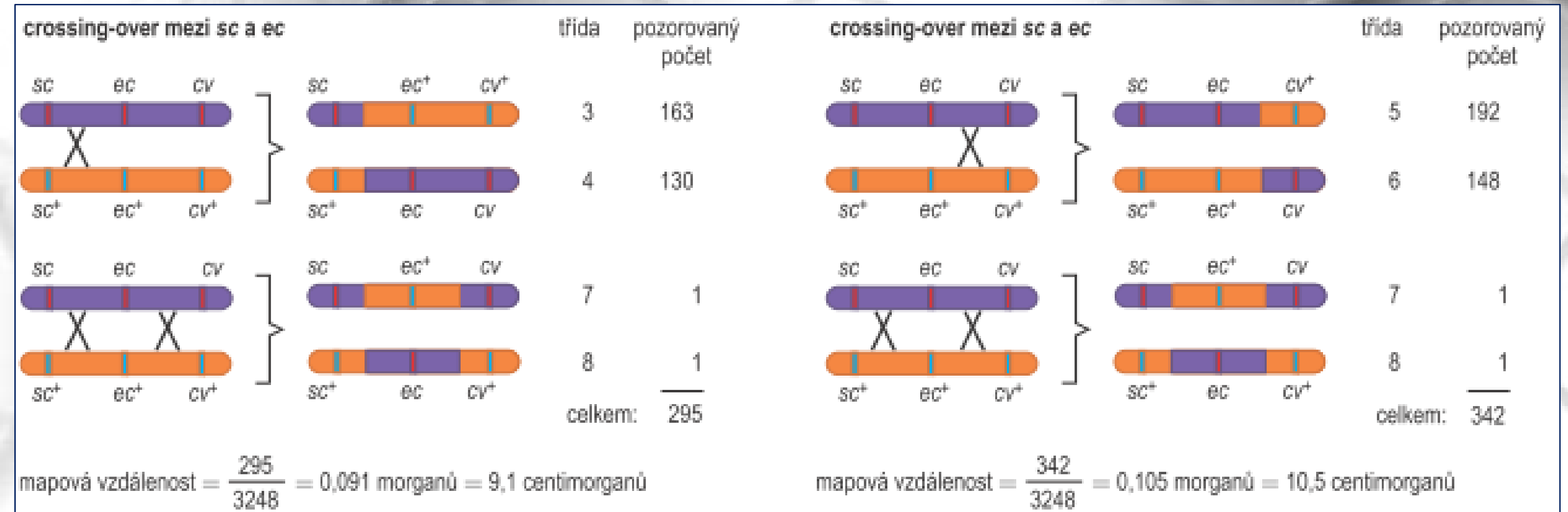
4) Obrázek genetické mapy:



1) Odstranění rodičů v pokusu s octomilkou

2) Tříbodové mapování - postup

3) Zápočtové příklady na Tříbodové mapování



Poznámky k příkladům

Zápočtové příklady - Příklad 2a) - počítání

Příklad 2 [\[nahoru\]](#)

Ve dvou kříženích u *Drosophila melanogaster* bylo použito kmenů *arc* (*a*, tvar křídel), *black* (*b*, zbarvení těla) a *morula* (*m*, tvar očních facet):

a) $a\ b\ m\ X\ +\ +\ +$

b) $a\ b\ +\ X\ +\ +\ m$

Po křížení samiček F1 se samečky *a b m* bylo získáno toto potomstvo:

	a)	b)
$+\ +\ +$	613	95
$+ b +$	445	40
$a + +$	38	713
$+ + m$	82	851
$a b +$	55	884
$+ b m$	29	666
$a + m$	467	33
$a b m$	514	79

a. Určete procento c.-o. mezi uvedenými geny a sestrojte mapu chromozomu.

Zadejte správné pořadí genů: — —

Doplňte vzdálenosti mezi geny:

$a - b$ **cM**

$b - m$ **cM**

$a - m$ **cM**

(zaokrouhlete na 1 desetinné místo)

Poznámky k příkladům

Zápočtové příklady - Příklad 3 - upozornění



Příklad 3 [\[nahoru\]](#)

U kukuřice byly identifikovány na třetím chromozomu tyto alelové páry: $+$, b , $+$, lg a $+$, v . Zpětné křížení trojnásobně recesivní formy s rostlinou F_1 heterozygotní pro všechny tři uvedené alelové páry dalo v potomstvu tyto fenotypy:

$+ v lg$	305	$b v +$	66
$b + lg$	128	$+++$	22
$b v lg$	18	$+ v +$	112
$++ lg$	74	$b ++$	275

- a. Udejte pořadí genů, vzdálenosti mezi nimi, namalujte mapu a stanovte **koeficient** **koincidence**.

$c = \text{pozorovaná četnost DCO} / \text{očekávaná četnost DCO}$

$(SCO \times SCO)$

Poznámky k příkladům

Zápočtové příklady - Příklad 4 - upozornění

Příklad 4 [\[nahoru\]](#)

Podle uvedených údajů o počtu rekombinovaných jedinců mezi geny *black*, *curved*, *purple*, *speck*, *star* a *vestigial* na druhém chromozomu *Drosophila melanogaster* sestrojte mapu tak, aby byla co nejpřesnější. Lokalizujte do této mapy také geny *arc* a *morula* z příkladu 2 (*arc* a *morula* jsou na opačné straně od *black* než je *star*).

Dvojice genů	Celkový počet jedinců	Počet rekombinovaných jedinců	četnost c.o.	vzdálenost
<i>black - curved</i>	62 679	14 237	0,227	22,7 cM
<i>black - purple</i>	48 931	3 026		
<i>black - speck</i>	685	326		
<i>black - star</i>	16 507	6 250		
<i>black - vestigial</i>	20 153	3 578		
<i>curved - purple</i>	51 136	10 205		
<i>curved - speck</i>	10 042	3 037		
<i>curved - star</i>	19 870	9 123		
<i>curved - vestigial</i>	1 720	141		
<i>purple - speck</i>	11 985	5 474		
<i>purple - star</i>	8 155	3 561		
<i>purple - vestigial</i>	13 601	1 609		
<i>speck - star</i>	7 135	3 448		
<i>speck - vestigial</i>	2 054	738		
<i>star - vestigial</i>	450	195		

Poznámky k příkladům

Zápočtové příklady - Příklad 4 - upozornění

Příklad 4 [\[nahoru\]](#)

Podle uvedených údajů o počtu rekombinovaných jedinců mezi geny *black*, *curved*, *purple*, *speck*, *star* a *vestigial* na druhém chromozomu *Drosophila melanogaster* sestrojte mapu tak, aby byla co nejpřesnější. Lokalizujte do této mapy také geny *arc* a *morula* z příkladu 2 (*arc* a *morula* jsou na opačné straně od *black* než je *star*).

Dvojice genů	Celkový počet jedinců	Počet rekombinovaných jedinců
<i>black</i> - <i>curved</i>	62 679	14 237
<i>black</i> - <i>purple</i>	48 931	3 026
<i>black</i> - <i>speck</i>	685	326
<i>black</i> - <i>star</i>	16 507	6 250
<i>black</i> - <i>vestigial</i>	20 153	3 578
<i>curved</i> - <i>purple</i>	51 136	10 205
<i>curved</i> - <i>speck</i>	10 042	3 037
<i>curved</i> - <i>star</i>	19 870	9 123
<i>curved</i> - <i>vestigial</i>	1 720	141
<i>purple</i> - <i>speck</i>	11 985	5 474
<i>purple</i> - <i>star</i>	8 155	3 561
<i>purple</i> - <i>vestigial</i>	13 601	1 609
<i>speck</i> - <i>star</i>	7 135	3 448
<i>speck</i> - <i>vestigial</i>	2 054	738
<i>star</i> - <i>vestigial</i>	450	195

- a. Správnost vámi sestrojené genetické mapy si ověřte zadáním pořadí genů do příslušných okének:

morula ▾ — ▾ — ▾ — ▾ — ▾ —
— ▾ — ▾ — ▾

Ukázat řešení